



TITLE:

# 離散型Kermack-McKendrick SIRモデルの特性 (生物現象に対するモデリングの数理)

AUTHOR(S):

瀬野, 裕美

---

CITATION:

瀬野, 裕美. 離散型Kermack-McKendrick SIRモデルの特性 (生物現象に対するモデリングの数理). 数理解析研究所講究録 2011, 1757: 37-43

ISSUE DATE:

2011-08

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/171302>

RIGHT:

## 離散型 Kermack–McKendrick SIR モデルの特性

### Some Remarks on The Nature of Discrete Kermack–McKendrick SIR Model

瀬野裕美

広島大学大学院理学研究科数理分子生命理学専攻

Hiromi SENO

*Department of Mathematical and Life Sciences, Graduate School of Science,*

*Hiroshima University, Higashi-hiroshima 739-8526 JAPAN*

`seno @ math . sci . hiroshima - u . ac . jp`

In this article, we consider a time-discrete epidemic model, which is built by a rational modeling making use of the Royama's framework [4, 5, 6, 7]. Especially we consider an epidemic population dynamics of nonfatal disease transmission, assuming that the total population size can be regarded as constant, say  $N$ , according to the epidemic time scale. We assume the probability  $P(i)$  that the number of contacts to other individuals by an individual is  $i$  in the  $k$ th day, and give the probability that the individual who contacts in  $j$  times to some infectives in the  $k$ th day successfully escapes from the infection by  $(1 - \beta)^j$  ( $0 < \beta < 1$ ). Our discrete model can be regarded as a discrete Kermack–McKendrick SIR model if we assume that  $P(i)$  follows a Poisson distribution. Further, with a rational introduction of the time step size, the limit of our discrete model system exactly converges/corresponds to well-known Kermack–McKendrick SIR model. We show that there is explicitly a conservation quantity for the discrete SIR model as well as for the well-known Kermack–McKendrick SIR model, furthermore that those conservation quantities coincide with each other so that the solutions of those discrete and continuous models are identical at each discrete time step defined for the former model.

## 1 緒言

感染症の伝染ダイナミクスに関しては、近年になって、基本的な離散時間モデルの数学的な性質に関する研究が再興しているようである（たとえば、文献 [2] およびその参考文献）が、その数理モデリング自体についての検討については未だ体系に不備があると考えられ、離散時間モデルの合理的構造に関する研究には課題が残っている。

離散時間モデルの構築については、個体間相互作用に関する仮定の詳細を数理モデリングに導入しやすい手法として、Royama (1992)[4] によって提出された、個体群内の個体群ダイナミクスの確率性を導入した確率過程に平均場近似を適用して導出される差分方程式系による離散時間モデルの構成法（「第一原理」によるモデリングと称される場合もある）やこの構成法から派生したと考えることのできる site-based モデル（たとえば、文献 [1, 6] 参照）を応用することができる。

本論文では、Royama (1992)[4] による数理モデリングを応用して、瀬野 (2008, 2009) [6, 7] において導出された、致死性の無視できる感染症の伝染ダイナミクスについての、感受性者頻度  $\psi_k = S_k/N$ 、感染者頻度  $\phi_k = I_k/N$ 、免疫保有（非感受性）者頻度  $\eta_k = R_k/N$  の日変動を与える差分方程式系による SIR モデルを考える。この離散型モデルは、1 日あたりの個体間の接触回数が Poisson 分布に従う場合、合理的な手法で時間ステップを導入すれば、時間ステップ長 0 の極限において、よく知られた常微分方程式系による連続型 Kermack–McKendrick SIR モデルを導く [6, 7]。

特に、本論文では、常微分方程式系による連続型 Kermack–McKendrick SIR モデルについてよく知られている、保存量の存在が、上記の対応する離散型 SIR モデルについても存在し、しかも、これらの保存量の間に数理的に厳密な対応関係が存在することについて述べる。

## 2 離散型 SIR モデル

### 基本モデル

Royama (1992) [4] による数理モデリングを応用して、致死性の無視できる感染症のある個体群における時間離散型の伝染ダイナミクスの数理モデルを構成できる (文献 [6, 7] 参照)。考える伝染ダイナミクスの時間スケール (i.e., ある感染シーズン期間中) では、総個体群サイズの (繁殖・死亡・移出入による) 増減は無視できるものとし、考えている個体群のサイズ (個体数) を  $N$  (正定数) とする。第  $k$  日目 (開始時) の感染症感受性個体数を  $S_k$ , 感染 (伝染力保有) 個体数を  $I_k$  と表わし、個体が 1 日に「延べ」 $i$  個体と接触する確率を  $P(i)$  で与える。個体が 1 日あたり接触する個体数の期待値  $\langle \pi \rangle$  は、 $\langle \pi \rangle = \sum_{i=0}^{\infty} iP(i)$  である。

すると、第  $k$  日目の 1 日の間に延べ  $i$  個体と接触した場合、(完全混合 complete mixing で近似できるといふ仮定の下では) その内、 $\phi_k = I_k/N$  の割合が感染個体であると期待されるので、第  $k$  日目に接触する感染個体数の期待値は、 $\sum_{i=0}^{\infty} (I_k/N) iP(i) = (I_k/N) \langle \pi \rangle$  となる。また、1 日の間に感染した  $j$  個体と接触した感受性個体が感染から免れる確率を  $(1-\beta)^j$  で与える ( $0 < \beta < 1$ )。パラメータ  $\beta$  は、1 感染個体と接触した感受性個体が感染症に感染する確率に相当する。以上の仮定より、感受性個体が第  $k$  日目に延べ  $j$  個体と接触したとき、感染から免れる確率は、

$$\begin{aligned} & \sum_{l=0}^j (1-\beta)^l \binom{j}{l} \left( \frac{I_k}{N} \right)^l \left( 1 - \frac{I_k}{N} \right)^{j-l} \\ &= \sum_{l=0}^j \binom{j}{l} \left\{ \frac{I_k/N}{1-I_k/N} (1-\beta) \right\}^l \left( 1 - \frac{I_k}{N} \right)^j \\ &= \left\{ \frac{I_k/N}{1-I_k/N} (1-\beta) + 1 \right\}^j \left( 1 - \frac{I_k}{N} \right)^j = \left( 1 - \beta \frac{I_k}{N} \right)^j \end{aligned}$$

となる。

ここで、感染個体が 1 日の内に回復し、感染力を失う確率を  $q$  で与える。回復した個体は免疫を獲得できると仮定する。回復し、免疫を獲得した個体は、感受性の部分個体群  $S$  には再加入することなく、伝染ダイナミクスからは除外されなければならない。第  $k$  日目における免疫獲得個体数を  $R_k$  と表す。このような数理モデリングは、考えている伝染ダイナミクスが、いわゆる **SIR モデル** と呼ばれるものに属することを意味している。

以上の仮定と設定により、感受性個体頻度  $\psi_k = S_k/N$ , 感染個体頻度  $\phi_k = I_k/N$ , 免疫保有個体頻度  $\eta_k = R_k/N$  の日変動を次の差分方程式系による数理モデルで与えることができる [6, 7]:

$$\begin{aligned} \psi_{k+1} &= \sum_{j=0}^{\infty} (1-\beta\phi_k)^j P(j) \psi_k \\ \phi_{k+1} &= \sum_{j=0}^{\infty} \{1 - (1-\beta\phi_k)^j\} P(j) \psi_k + (1-q)\phi_k \\ \eta_{k+1} &= q\phi_k + \eta_k \end{aligned} \tag{1}$$

任意の  $k$  について  $\psi_k + \phi_k + \eta_k = 1$  である。

### 接触確率が Poisson 分布で与えられる場合

今、確率  $P(i)$  が次の Poisson 分布に従う場合を考える:

$$P(j) = \frac{\gamma^j e^{-\gamma}}{j!}$$

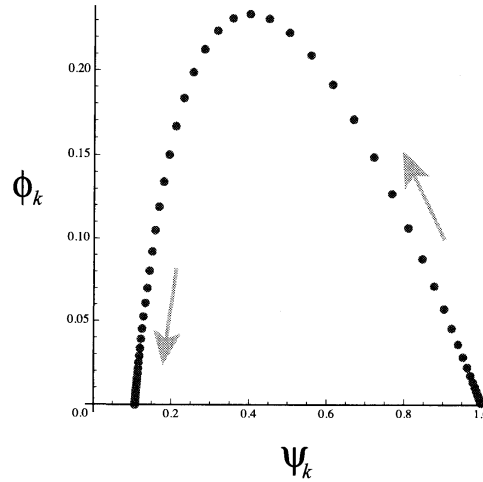


Fig. 1: 系 (2) の解軌道。  $\psi_0 = 0.999$ ;  $\phi_0 = 0.001$ ;  $q = 0.2$ ;  $\beta = 0.1$ ;  $\gamma = 5.0$ 。

感受性個体 1 個体が接触する個体数の期待値  $\langle \pi \rangle$  は、 $\langle \pi \rangle = \gamma$  である。このとき、数理モデル (1) は、次の差分方程式系となる (Fig. 1 参照) [6, 7] :

$$\begin{aligned}\psi_{k+1} &= \psi_k e^{-\beta \gamma \phi_k} \\ \phi_{k+1} &= \psi_k (1 - e^{-\beta \gamma \phi_k}) + (1 - q) \phi_k \\ \eta_{k+1} &= q \phi_k + \eta_k\end{aligned}\quad (2)$$

この差分方程式系による伝染ダイナミクスモデルを離散型 Kermack–McKendrick SIR モデルと呼ぶ (次節参照)。

### 3 時間ステップ長 0 の極限における連続時間型モデル

接触確率分布  $P(i)$  が Poisson 分布に従う場合の差分方程式系 (2) について、時間ステップ長を、一般的に、 $h > 0$  とするならば、自然な拡張として、次のような一般化差分方程式系を導出することができる [6, 7] :

$$\begin{aligned}\psi(t+h) &= \psi(t) e^{-\beta \gamma h \phi(t)} \\ \phi(t+h) &= \psi(t) \{1 - e^{-\beta \gamma h \phi(t)}\} + (1 - qh) \phi(t) \\ \eta(t+h) &= qh \phi(t) + \eta(t)\end{aligned}\quad (3)$$

ここで、(2) を (3) に一般化するにあたって、(2) において時間ステップ長に依存した値をもつパラメータについての自然な変換  $\gamma \rightarrow \gamma h$ ,  $q \rightarrow qh$  を用いている。容易に、(3) の  $h \rightarrow 0$  の極限において、次の微分方程式系を導出することができる :

$$\begin{aligned}\frac{d\psi(t)}{dt} &= -\beta \gamma \psi(t) \phi(t) \\ \frac{d\phi(t)}{dt} &= \beta \gamma \psi(t) \phi(t) - q \phi(t) \\ \frac{d\eta(t)}{dt} &= q \phi(t)\end{aligned}\quad (4)$$

この微分方程式系は、最も単純な Kermack–McKendrick SIR モデルに数学的に同等である。この一致は、(2) による離散型伝染ダイナミクスのモデリングの仮定と、よく知られた常微分方程式系 (4) による Kermack–

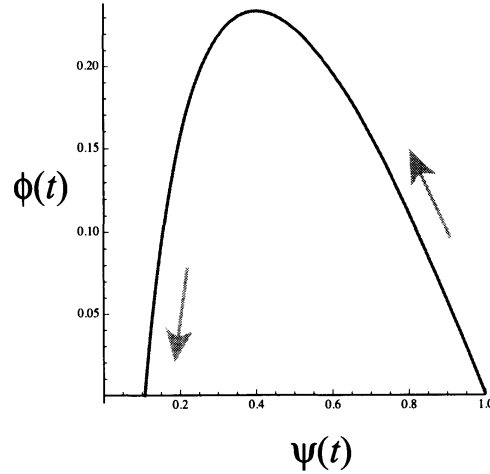


Fig. 2: 系 (4) の解軌道。  $\psi(0) = 0.999$ ;  $\phi(0) = 0.001$ ;  $q = 0.02$ ;  $\beta = 0.1$ ;  $\gamma = 0.5$ 。

McKendrick SIR モデルにおける仮定の共通性によるものと理解できる。したがって、離散型伝染ダイナミクスモデル (2) は離散型 Kermack-McKendrick SIR モデルと呼ぶことは理にかなっている。

## 4 保存量

よく知られているように、連続型 Kermack-McKendrick SIR (常微分方程式系) モデル (4) については、第 1 式と第 2 式から得られる微分方程式

$$\frac{d\psi}{d\phi} = \frac{-\beta\gamma\psi}{\beta\gamma\psi - q}$$

より、任意の時刻  $t$  において保存される量

$$\psi(t) + \phi(t) - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi(t) = \psi(0) + \phi(0) - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi(0) \quad (5)$$

が存在することを容易に示すことができる。この式 (5) は、同時に、 $(\psi, \phi)$ -相平面における解曲線  $(\psi(t), \phi(t))$  を与える (Fig. 2 参照)。

一方、離散型 Kermack-McKendrick SIR モデル (2) については、第 1 式と第 2 式より、指数関数部分を消去すれば、

$$\psi_{k+1} + \phi_{k+1} = \psi_k + \phi_k - q\phi_k$$

が得られ、同第 1 式から導かれる

$$\phi_k = \frac{1}{\beta\gamma} \log \frac{\psi_k}{\psi_{k+1}}$$

を右辺第 3 項に代入すれば、等式

$$\psi_{k+1} + \phi_{k+1} - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi_{k+1} = \psi_k + \phi_k - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi_k \quad (6)$$

が得られる。等式 (6) は、任意の時間ステップ  $k$  において保存される量

$$\psi_k + \phi_k - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi_k = \psi_0 + \phi_0 - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi_0 \quad (7)$$

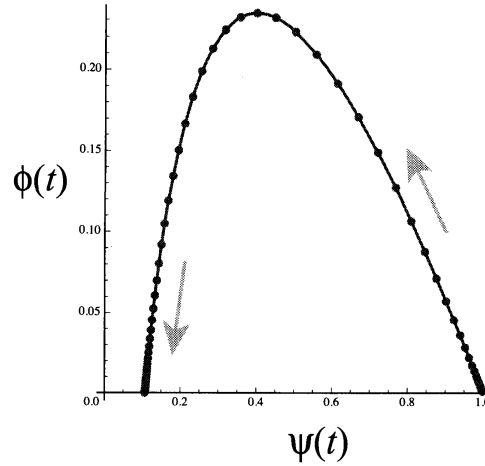


Fig. 3: 系 (3) と系 (4) の解軌道。  $\psi(0) = 0.999$ ;  $\phi(0) = 0.001$ ;  $q = 0.02$ ;  $\beta = 0.1$ ;  $\gamma = 0.5$ ;  $h = 10.0$ 。系 (3) の解軌道  $\{(\psi(t), \phi(t)) | t = 0, h, 2h, \dots\}$  は、常に、系 (4) の解曲線上にある。

が存在することを表している。そして、この式 (7) は、 $(\psi, \phi)$ -相平面における系 (2) の解軌道  $\{(\psi_k, \phi_k) | k = 0, 1, 2, \dots\}$  が曲線

$$\psi + \phi - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi = \psi_0 + \phi_0 - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi_0 \quad (8)$$

上にあることを意味する。

## 5 Dynamical Consistency

離散型 Kermack–McKendrick SIR モデル (2) に時間ステップ長  $h$  を導入した一般化系 (3) についても、同様にして、(6) に相当する等式

$$\psi(t+h) + \phi(t+h) - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi(t+h) = \psi(t) + \phi(t) - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi(t) \quad (9)$$

を得ることができる。等式 (9) は、 $(\psi, \phi)$ -相平面における系 (3) の解軌道  $\{(\psi(t), \phi(t)) | t = 0, h, 2h, \dots\}$  が、時間ステップ長  $h$  に依存しない曲線

$$\psi + \phi - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi = \psi(0) + \phi(0) - \frac{q}{\beta\gamma} \log \psi(0) \quad (10)$$

上にあることを意味している。

$(\psi, \phi)$ -相平面における曲線 (10) は、連続型 Kermack–McKendrick SIR (常微分方程式系) モデル (4) の解曲線 (5) と一致している。すなわち、同じ初期条件を課せば、 $(\psi, \phi)$ -相平面における系 (3) の解軌道  $\{(\psi(t), \phi(t)) | t = 0, h, 2h, \dots\}$  は、常に、連続型 Kermack–McKendrick SIR (常微分方程式系) モデル (4) の解曲線 (5) 上にある (Fig. 3)。

言い換えれば、連続型 Kermack–McKendrick SIR (常微分方程式系) モデル (4) と同じパラメータ値  $\beta$ ,  $\gamma$ ,  $q$  を用いて、離散型 Kermack–McKendrick SIR モデル (2) に時間ステップ長  $h$  を導入して、時間ステップ長  $h$  に依存した値をもつパラメータ  $\gamma$  と  $q$  についてのみ、変換  $\gamma \rightarrow \gamma h$ ,  $q \rightarrow qh$  として、

$$\begin{aligned} \psi_{k+1} &= \psi_k e^{-\beta\gamma h \phi_k} \\ \phi_{k+1} &= \psi_k (1 - e^{-\beta\gamma h \phi_k}) + (1 - qh)\phi_k \\ \eta_{k+1} &= qh\phi_k + \eta_k \end{aligned} \quad (11)$$

を考えれば（一般化系 (3) と同等であり），(4) における初期条件  $(\psi(0), \phi(0))$  と同じ初期条件  $(\psi_0, \phi_k) = (\psi(0), \phi(0))$  に対する (11) の解軌道  $\{(\psi_k, \phi_k) | k = 0, 1, 2, \dots\}$  は，系 (4) の解  $(\psi(t), \phi(t))$  が与える時間ステップ長  $h$  での値の離散時系列  $\{(\psi(t), \phi(t)) | t = 0, h, 2h, \dots\}$  と一致する： $(\psi_k, \phi_k) = (\psi(kh), \phi(kh))$  ( $k = 0, 1, 2, \dots$ )。この意味で，系 (11) は，任意の時間ステップ長  $h$  について，連続型 Kermack–McKendrick SIR（常微分方程式系）モデル (4) と定量的な dynamical consistency をもつといえる。

## 6 結語

本論文では，時間ステップ長  $h$  を導入して一般化した離散型 Kermack–McKendrick SIR モデル (11) が，よく知られた常微分方程式系 (4) による連続型 Kermack–McKendrick モデルと，時間ステップ長  $h$  に依存せずに，時刻  $t = 0, h, 2h, \dots$  における解が一致すること（解の堅固な定量的な一致性）を，保存量を与える関数を用いて示した。よって，ある感染症の伝染ダイナミクスに対する数理モデルとして，離散型 (11) と連続型 (4) は，数理的に同等のモデリング（dynamically consistent modeling）と考えられる。

ただし，ここで注意しておくべきことは，離散型モデル (11) は，連続型モデル (4) の『離散化』によって導かれるものではないということである。逆に，本論文で記したように，連続型モデル (4) は，合理的な数理モデリングによって構成された離散型モデル (11) の時間連続近似として，時間ステップ長  $0$  の極限操作によって導出される。本論文で扱った離散型モデルは，連続型モデルの時間離散化による近似によって現れる離散型モデルではない。

本論文では，特に，感染症の伝染ダイナミクスについての最も基本的な Kermack–McKendrick SIR モデルに相当する離散型モデル (2) を取り上げ，合理的に対応する連続型モデルの解とその解の一致性を示したが，離散型モデルとそれから導出される連続型モデルとの間で一般的に期待されることでは決してない。むしろ，本論文で述べたのは特殊な場合であるが，これまで明確に認識されていない結果でもある。

実際，連続型 Kermack–McKendrick モデルの場合と同様に，離散型 Kermack–McKendrick モデル (2) についても，感染者が感染力を失ってから免疫を必ずしも獲得できない場合（不完全免疫；SIS モデル），回復して獲得できる免疫力が失活性をもつ場合（不完全免疫；SIRS モデル）に拡張することは容易であるが，それらの場合，対応する連続型モデルの解との間に，本論文で述べたような堅固な定量的な一致性は一般に望めない（未発表；別途発表予定）。ただし，そのような場合であっても，解の定性的な一致性は時間ステップ長  $h$  の広い範囲について成り立つと期待でき，よって，離散型モデルと（それから導出される）連続型モデルの間の dynamical consistency の詳細については，今後の課題である。

離散型モデルは，そのモデリングにおいて，連続型モデルよりも合理的に数理的構造を組み込める自由度が高い。しかしながら，歴史的には，常微分方程式系による連続型モデルが，いち早く，感染症の伝染ダイナミクスについても流行り，その結果，多くの研究が現象の理解に有効な寄与を成してきた。上記の離散型モデルのもつより高い自由度は，裏返せば，離散型モデルに対する数学的解析の困難さを増す性質であり，そのことが，現象の理論的研究に適用するための（連続型モデルに比しての）欠点であったのかもしれない。しかし，現代，そして，今後，コンピュータ支援による数理的な解析の手法がますます進歩し，高速化してゆくことによって，離散型モデルの数理的解析を十分に進められる環境が広がるにつれ，離散型モデルの自由度の高さは数理モデリングとして有効であるばかりで欠点とはいえなくなってきたといえよう。この意味でも，離散型モデル解析による理論的な研究は今後ますます有効となっていくだろう。また，連続型モデルが時間離散的な事象で生じる（生物の繁殖などの）過程に対するある種の連続近似であることを省みれば，これまでの連続型モデル解析の結果による理論の体系についても，離散型モデルによる再検討を行うことによって，新しい視点や問題点を見いだせるかもしれない。さらに，連続型モデルと離散型モデルによるいずれのモデリングがより合理的かは対象とする現象の特性，そのどういった側面を理論的に扱おうとする課題であるかに依存して定められるべきものであるから，今後，連続型，離散型のいずれかに

とられることなく、いずれがより合理的な選択かを適切に吟味するための理論体系も発達してゆくであろうから、理論的研究における数理モデル解析がより一層有効な手法として成長してゆくことが期待される。

## 参考文献

- [1] Å. Brännström and D.J.T. Sumpter. The role of competition and clustering in population dynamics. *Proc. R. Soc. B*, Vol. 272, pp. 2065–2072, 2005.
- [2] J.E. Franke and A.-A. Yakubu. Disease-induced mortality in density-dependent discrete-time S-I-S epidemic models. *J. Math. Biol.*, Vol. 57, pp. 755–790, 2008.
- [3] A.J. Nicholson and V.A. Bailey. The balance of animal populations. Part I. *Proc. Zool. Soc. Lond.*, Vol. 1935, No. 3, pp. 551–598, 1935.
- [4] T. Royama. *Analytical Population Dynamics*. Chapman & Hall, London, 1992.
- [5] 瀬野裕美. 数理生物学：個体群動態の数理モデリング入門. 共立出版, 東京, 2007.
- [6] 瀬野裕美. 個体群動態の数理モデリング序論, シリーズ 数理生物学要論 巻1 「『数』の数理生物学」 (日本数理生物学会 編, 瀬野裕美 責任編集), p.1–p.43, 共立出版, 東京, 2008.
- [7] 瀬野裕美. 感染症個体群動態に関する時間離散モデルについての考察. 京都大学数理解析研究所講究録, Vol. 1663, pp. 20–29, 2009.